

Západočeská univerzita v Plzni
Fakulta aplikovaných věd
Katedra informatiky a výpočetní techniky

Diplomová práce

Nástroj pro automatickou identifikaci KIR alel

Místo této strany bude
zadání práce.

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem diplomovou práci vypracovala samostatně a výhradně s použitím citovaných pramenů.

V Plzni dne 8. března 2020

Kateřina Kratochvílová

Poděkování

Ráda bych poděkovala Ing. Lucii Houdové, Ph.D. za cenné rady, věcné připomínky, trpělivost a ochotu, kterou mi v průběhu zpracování této práce věnovala.

Abstract

The text of the abstract (in English). It contains the English translation of the thesis title and a short description of the thesis.

Abstrakt

Text abstraktu (česky). Obsahuje krátkou anotaci (cca 10 řádek) v češtině. Budete ji potřebovat i při vyplňování údajů o bakalářské práci ve STAGu. Český i anglický abstrakt by měly být na stejné stránce a měly by si obsahem co možná nejvíce odpovídat (samozřejmě není možný doslovný překlad!).

Obsah

1	Úvod	8
1.1	Bordel	8
2	Geny	9
2.1	Imunitní systém aneb kde se vzal KIR	9
2.1.1	Vrozená imunita	9
2.1.2	Získaná imunita	9
2.1.3	Antigen	10
2.2	Imunitní systém, HLA a non-HLA geny	10
2.2.1	Jak vypadá genom	11
2.3	10/10	12
2.4	Porovnání vhodného dárce	13
2.5	Natural Killer a KIR	13
2.5.1	Natural killer	13
2.5.2	KIR	14
2.5.3	Nomenklatura KIR genů	15
2.6	bordel	18
2.6.1	Dědičnost KIR	21
2.7	Jak funguje HLA	21
2.8	Jak funguje non-HLA	21
2.9	Bordel pro první kapitulu	21
2.10	Sekvence DNA	23
2.11	Alela a gen	24
2.11.1	Alely KIR genů	24
3	Sekvenační metody získávání DNA dat	26
3.1	Sanger sequencing	26
3.2	NGS next-generation sekvenování	27
3.2.1	454 sekvenování a Ion Torrent	28
3.2.2	Illumina	29
3.2.3	SOLiD	29
3.3	Metody třetí generace	30
3.4	Read	31
3.5	Bordel	33

4	Analyza dostupných bioinformatických nástrojů pro zpracování NGS dat	35
4.1	Referenční genomy	35
4.2	ART	35
4.2.1	pokus to nějak spustit	36
4.2.2	FASTQ	36
4.2.3	bordel	38
4.3	Bowtie	38
4.3.1	Bordel	38
4.3.2	Bowtie 2	39
4.3.3	bordel	40
	Literatura	41

1 Úvod

1.1 Bordel

Její podstata spočívá v tom, že si organismus uchová část B lymfocytů (tzv. paměťový T-lymfocyt, viz imunologická paměť), které jsou odpovědné za výrobu specifických protilátek proti patřičnému patogenu. Organismus tak může spustit specifickou imunitní odpověď okamžitě a masově po zaznamenání infekce, aniž by předtím musel složitě hledat vhodné buňky k produkci patřičných protilátek. Právě této vlastnosti využívá očkování.

2 Geny

V každé buňce lidského organismu, konkrétně v buněčném jádře, je možné nálezt 46 chromozomů. Jeden chromozom představuje stočenou dlouhou molekulu DNA (Deoxyribonukleovou kyselinu). Všechny 46 chromozomů obsahuje okolo 100 000 genů. Drobný segment DNA, který řídí buněčnou funkci je právě gen. Konkrétní forma genu je alela. [12] Uvnitř buňky máme celý genom který se ovšem nemusí projevit na povrchu buňky. Pokud se vlastnost kterou gen přenáší projeví na povrchu buňky označujeme to jako exprese genu (jeho sebevypádění).

2.1 Imunitní systém aneb kde se vzal KIR

Imunitní systém chrání organismus před škodlivinami. Skládá se ze dvou hlavních částí vrozené imunity a získané imunity.

2.1.1 Vrozená imunita

Vrozená imunita též označována přirozená, neadaptivní, antigenně nespecifická je neměnně zapsána v DNA. To znamená, že při každém setkání s antigenem odpoví stejnou reakcí. Buňky nesoucí vrozenou imunitu jsou stále přítomně v krvi, takže jejich případná aktivace je takřka okamžitá (minuty až hodiny). Do této imunity patří i natural killer buňky s KIR receptory, které budou dále rozebírány v textu.

2.1.2 Získaná imunita

Získaná imunita též označována specifická či adaptivní oproti specifické má v genomu zapsány pouze své základy. V průběhu lidského života se vyvíjí a mění. Změna může nastat například očkování nebo proděláním patřičné choroby, může být ale dočasná. Z těchto důvodů může být odpověď získané imunity při setkání se stejnou chorobou rozdílná. Fungování získané imunity zajišťují T- a B- lymfocyty, ale nefunguje samostatně. Při zabíjení patogenů spolupracuje s vrozenou imunitou.

2.1.3 Antigen

Antigenem označujeme látky, které imunitní systém rozpozná a zareaguje na ně. Nejčastější antigeny jsou cizorodé látky z vnějšího prostředí.

2.2 Imunitní systém, HLA a non-HLA geny

Human leucocyte antigen (HLA) je genetický systém, který je primárně zodpovědný za rozeznávání vlastního od cizorodého. Tento systém je složen právě z jednotlivých HLA genů, které následně svojí expresí na povrch buňky do HLA molekul rozpoznávají antigeny (cizorodé částice). Pokud HLA molekula přijde do styku s antigenem je antigen zničen.

HLA obsahuje pravděpodobně i geny odpovědné za intenzitu imunitní odpovědi.

HLA antigeny je skupina bílkovin, jsou lokalizovány na povrchu buněk klíčové pro imunitní systém. Zjednodušeně lze říci že HLA molekuly, imunoglobuliny a receptory T-lymfocytů jsou základem adaptivní imunity člověka

HLA je rozsáhlý komplex genů, které determinují (určují, rozpoznávají????) povrchové molekuly (antigeny) umístěné v plazmatické membráně buněk

Hlavní fyziologickou funkcí molekul MHC je předkládat antigeny nebo jejich fragmenty buňkám imunitního systému, především T-lymfocytům (prezentace antigenu je prvním předpokladem pro rozvoj imunitní reakce a tím obrany proti napadení mikroorganismy). Pomocí těchto molekul buňky imunitního systému vzájemně kooperují.

Non-HLA geny jsou geny které se nepodílejí na základní funkci HLA systému.

základní rozdíl mezi HLA a non-HLA a k

Non-HLA geny jsou geny které se nepodílejí na základní funkci HLA systému. Z III třídy jsou to všechny, z II žádný a z I je to směs. Zjednodušeně můžeme říci, že geny které nejsou HLA jsou non-HLA. Tyto geny souvisejí též s funkcí imunitního systému, ne však vylučně s funkcí HLA.

někdy je termín HLA a MHC zaměňován.. MHC je tedy souhrnný termín pro všechny komplexy kdy podskupinou jsou HLA jen pro lidi a stejně tak může být DLA který je jen pro psy.. Z funkčního i biologického hlediska jde však u všech savců o stejnou skinu genů

Ze strukturálního hlediska je možné HLA geny rozdělit do 2 základních skupin HLA I a II třídy.

Mezi těmito 2 regiony se nachází region III (někdy označován jako region HLA III. třídy) s geny pro komplement (C4), některé cytokiny (TNF alfa) a stresové proteiny (hsp). Zatímco 16 prakticky všechny geny regionu II se

nějakým způsobem podílí na základní funkci HLA systému - tj. zpracování a prezentaci antigenů T-lymfocytům, z genů regionu III žádný a region třídy I je v tomto směru intermediární, tj. obsahuje směs genů jak bezprostředně se podílejících, tak přímo nesouvisejících s funkcí HLA systému.

V HLA I je přibližně 20 genů hlavní jsou HLA- A, -B a -C další jsou HLA E, F, G, MICA a MICB Další geny – HLA H, J, K a MICC- jsou pseudogeny.

HLA II HLA DR, HLA DP a HLA DQ. pak ještě DM, DO

Diverzita genů vznikla na díky nepřetržité snaze účinně eliminovat neustále se měnící spektrum patogenů.

Z hlediska dědičnosti jsou všechny geny kódující HLA molekuly kodominantní a řídí se mendelovským typem dědičnosti. Všechny geny HLA systému na 6. chromozómu se dědí vcelku jako blok – takzvaný haplotyp. Jedinci jsou heterozygotní a mají tak na buňkách dvě kompletní sady HLA antigenů. Geny HLA systému vykazují poměrně těsnou genetickou vazbu takže se většinou přenášejí jako bloky genů, mezi kterými pouze výjimečně dochází k rekombinaci (crossing-over). Rodinné studie ukázaly, že pro některé regiony uvnitř HLA komplexu je relativní absence rekombinací („crossing-over“) obzvláště typická. Jde především o subregiony HLA-B k HLA-C a HLA-DQB1 k HLA- DRB1. Tyto regiony jsou někdy označovány jako „polymorfní zmražené bloky“ a jejich odolnost vůči rekombinacím je základem vazebné nerovnováhy (linkage disequilibrium) – tedy nenáhodné asociaci alel 2 nebo více lokusů- mezi specifickými alelami HLA- B a HLA-C, respektive HLA-DR a DQ. Populačně genetické studie prokázaly, že vazebná nerovnováha je dokonce typickým rysem HLA systému. Mezi pravděpodobné příčiny patří již uváděná redukováná frekvence rekombinací a selekce ve prospěch vázaného polymorfismu (18), podrobnější rozbor by byl nad rámec textu. Ukázkovým příkladem této vazebné nerovnováhy je nejčastější indoevropský („kavkazoidní“) haplotyp A1-B8-DR3, který se v bělošské populaci vykytuje až s 5-10AH8.1 (viz též dále 1.1.8).

2.2.1 Jak vypadá genom

Genová oblast HLA komplexu, se nalézá na krátkém raménku 6. chromozomu (6p21.31), zaujímá úsek dlouhý 3600 kb (3,6cM), tedy přibližně jednu tisícinu genomu. Obsahuje 224 genů; 128 funkčních genů a 96 pseudogenů a patří k regionům s nejvyšší genovou hustotou.

Uprostřed HLA oblasti se nachází úsek o velikosti 1 Mb, ve kterém bylo identifikováno na 70 genů, které se funkčně ani strukturně nepodobají HLA molekulám. Navzdory této skutečnosti se vžilo označení geny III. třídy, přičemž některé geny původně zařazené do této třídy jsou nověji označovány

jako geny IV. třídy (viz. výše).

HLA-6.Chromozom a KIR 19.chromozom udíží se segregují nezávisle a HLA shodní dárce s příjemce mají obvykle různé složení KIR genů (Fryčová)

2.3 10/10

Ta je postavena na případě typizace 5 lokusů (HLA-A/B/C/DRB1/ /DQB1). Vstupním parametrem samotného vyhledávání je míra shody (match) či definované neshody (mismatch). Navržená metoda je platná nejen pro úplnou míru shody 10/10 (shoda HLA-A/B/C/DRB1/DQB1), ale i menší, např. 8/8 (HLA-A/B/C/DRB1), či požadovanou neshodu na konkrétních lokusech, např. 9/10 HLA-A mismatch.

Během vyhledávání se hodnotí shoda obou alel v lokusech HLA-A, HLA-B, HLA-C, HLA-DRB1 a HLA-DQB1. Cílem je najít dárce, který bude s příjemcem shodný v 10 znacích z 10. V závislosti na pacientově stavu a nízké pravděpodobnosti najít včas shodného nepříbuzného dárce je možné tolerovat odchylky v jednom nebo dvou znacích (9/10, 8/10). Každá odchylka však zvyšuje riziko rozvoje potransplantačních komplikací.

dědičnost HLA znaků

Každý člověk má tzv. fenotyp neboli soubor HLA znaků, který je složen právě ze dvou haplotypů. Každý z haplotypů je tvořen sadou antigenů obsahujících konkrétní alely. Polovinu těchto znaků zdědíme od matky a polovinu od otce. Z hlediska transplantace se v současné době považují za nejdůležitější (a proto se také nejpřesněji vyšetřují) HLA antigeny I. třídy A, B, C a antigeny II. třídy DR a DQ. Existuje ale řada dalších – tzv. minoritních antigenů, které dosud nejsou dostatečně probádány, a jejich vliv na průběh transplantace se teprve zkoumá. V současnosti je požadavek na míru shody 10/10 neboli v pěti HLA antigenech, konkrétně v (HLA -A, -B, -C, -DRB1 a -DQB1). Nejmenší možná shoda představuje 6/10 v genech (HLA -A, -B, -DRB1), ale zde bohužel pro pacienta vzniká smrtelné riziko odvržení štěpu.

Počet teoreticky možných kombinací HLA znaků u člověka dosahuje několika miliard. Je známo, že některé tkáňové typy (kombinace znaků) se vyskytují v určitém národě či oblasti častěji, jiné jsou extrémně vzácné. Protože se jednotlivé znaky dědí, shodu mezi dvěma jedinci najdeme nejsnáze v pokrevním příbuzenstvu. Od rodičů na potomky se příslušná polovina znaků předává obvykle ve zmíněné kompletní sadě (haplotypu). Pro zjednodušení je uveden příklad, podle kterého je dle genetických zákonů možné dědit jednu ze čtyř možných variant výše zmíněných druhů HLA antigenů mezi sourozenci (obr.

3.2).

2.4 Porovnání vhodného dárce

V případě nepříbuzenských transplantací se vybírají potenciální dárce, kteří nemají s daným pacientem žádný děděný haplotyp. Snahou je najít takového dárce, který má shodné, přestože děděné od jiných rodičů, HLA antigeny. Informace o tom, jak jsou alely haplotypicky uspořádány obvykle chybí, proto je vždy nutná typizace maximálním rozlišením ve více HLA lokusech. Zjišťovaný minimální rozsah HLA shody se v jednotlivých transplantačních centrech liší. V současné době je u nepříbuzného páru požadována typizace vysokým rozlišením v lokusech HLA – A, B, C, DR a DQ (<http://www.efiweb.eu/efi-committees/standards-committee.html>). Pokud pacient a dárce mají stejné alely na všech těchto lokusech, hovoříme o shodě 10/10. Při jedné neshodě se jedná o shodu 9/10, při dvou o shodu 8/10. K typizaci se nejčastěji používá PCR – SSP (PCR se sekvenačně specifickými primery) či SBT (sequence based typing) technika, v posledních letech se stává zlatým standardem přímá sekvenace (SBT) HLA genu. fríčová U HLA - A, B, C, DR a DQ požaduje se typizace v těchto lokusech. Pokud má dárce shodu ve všech lokusech hovoříme o shodě 10/10 při jedné neshodě je to 9/10.

2.5 Natural Killer a KIR

Mezi rizika při transplantaci krvetvorných buněk patří reakce štěpu proti hostiteli nebo relaps onemocnění (návrat nemoci). Podle nedávných studií výsledky přijetí štěpu ovlivňují nejenom HLA geny ale i non-HLA geny. Jedním z nich může být právě killer immunoglobulin-like receptor (KIR). V případě kdy by bylo nalezeno více vhodných dárců, tj. se shodou 10/10 nebo 9/10, vybíralo by se následně podle KIR genů [7] [1].

2.5.1 Natural killer

NK buňky (Natural killer) jsou velké granulární lymfocyty vrozeného imunitního systému. V krevním oběhu lidského těla je jich možné nalést 10–15%.

Klíčovou vlastností NK buněk je nejenom schopnost rozlišit poškozené buňky od zdravích ale i poškozené buňky rychle a efektivně likvidovat. Poškozené

buňky mohou být buňky infokované virem či buňky transformované v nádorové.

2.5.2 KIR

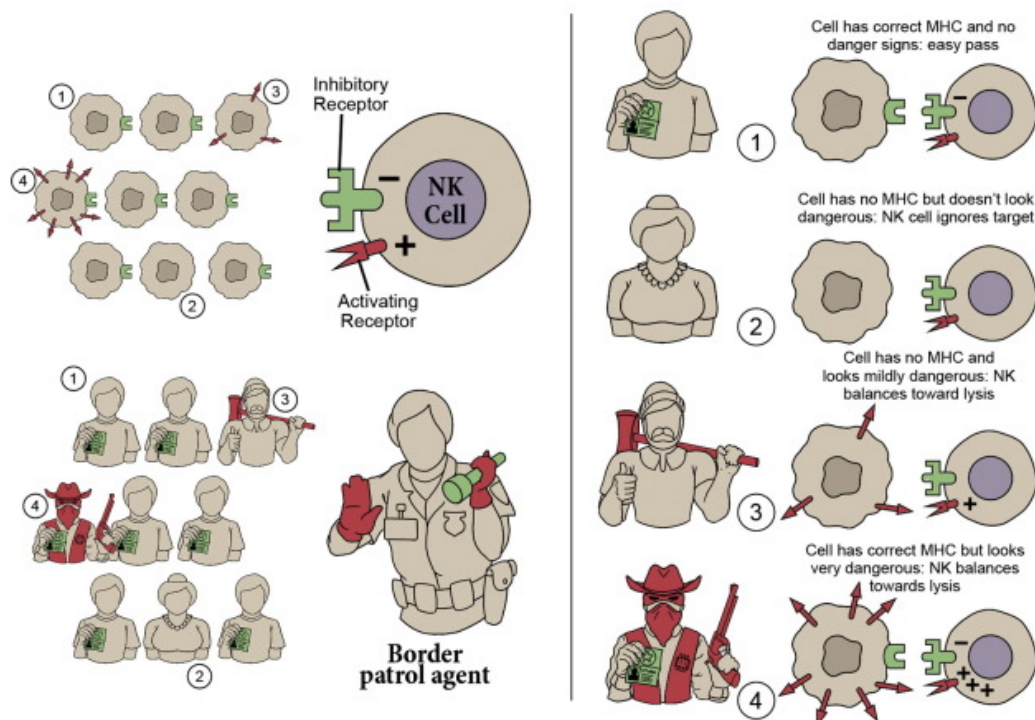
Killer immunoglobulin-like receptor (KIR) jsou receptory na povrchu NK buněk. Natural killer buňky oproti B- a T- lymfocitům (buňkám získané imunity) nemají antigenně specifické receptory. NK buňky rozpoznávají a zabíjejí buňky na základě interakce mezi KIR receptorem a HLA molekulou na povrchu zkoumané buňky.

KIR receptory můžeme rozdělit na inhibiční a aktivační. Zda dojde k aktivaci NK buňky rozhoduje právě jejich rovnováha na zkoumané buňce. Zatímco inhibiční receptory se váží hlavně na molekuly HLA, aktivační receptory rozpoznávají molekuly které jsou exprimovány na membránu při buněčném stresu.

NK buňky ustavičně prohledávají své okolí a testují přítomnost příslušných HLA ligand (specifická HLA molekula) pro své KIR receptory. Pokud je příslušný HLA ligand přítomen naváže se na NK buňku (2.1 případ 1). Tímto systémem jsou ochráněny vlastní HLA buňky. Pokud přítomen není je spuštěna cytotoxická reakce (schopnost níčit buňky) a zkoumaná buňka je zničena.

Některé virem napadené buňky potlačují propsání HLA ligand na povrch buňky a tím se brání cytotoxicitě proti T lymfocitům, ale naopak jsou více citlivější na cytotoxicitu proti NK buňkám. Ukázáno na obrázku 2.1 případ 3.

The NK Cell is like a border patrol agent



Obrázek 2.1: Přirovnání fungování natural killer buňky k pasové kontrole [11]. V pravé části jsou zobrazené případy které mohou nastat když natural killer buňka potká jinou buňku. V prvním případě je tělu vlastní zdravá buňka, kde se KIR receptor naváže na HLA ligand a k cytotoxické reakci nedojde. V druhém případě je červená krvinka k cytotoxicitě opět nedojde, protože na zkoumané buňce nepřevažují aktivační receptory. V 3 případě je to nádorová buňka, která schová HLA ligand (může nastat po transplantaci kostní dřeně) a tím se "schová" proti T-lymfocytům. Avšak aktivační receptory převládají a tak k cytotoxicitě dojde. Ve 4 příkladě je nádorová buňka nebo virem nakažená buňka (stresové ligandy). Aktivační receptory převládají k cytotoxicitě dojde.

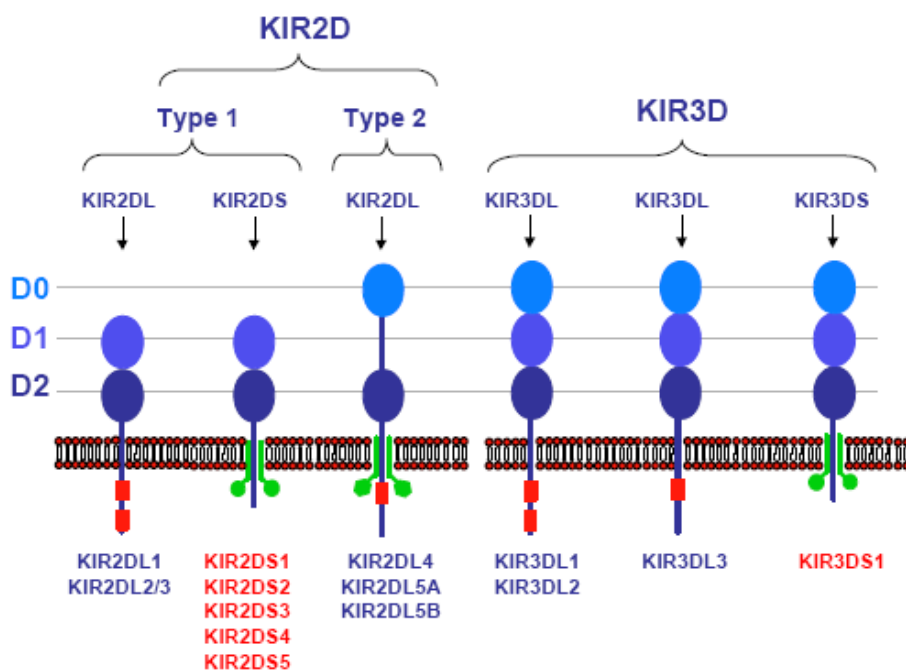
V případě transplantace je jedním z možných řešení pacientovi dát štěp, který obsahuje aktivační KIR receptory, které nemají jeho buňky.

2.5.3 Nomenklatura KIR genů

KIR geny (na obrázku 2.2 se liší různou délkou cytoplasmatických ocásku (tail) a různým počtem imunoglobulin-like domén (lg-like). Na základě této rozmanitosti byla založena nomenklatura KIR genů, tedy jejich pojmeno-

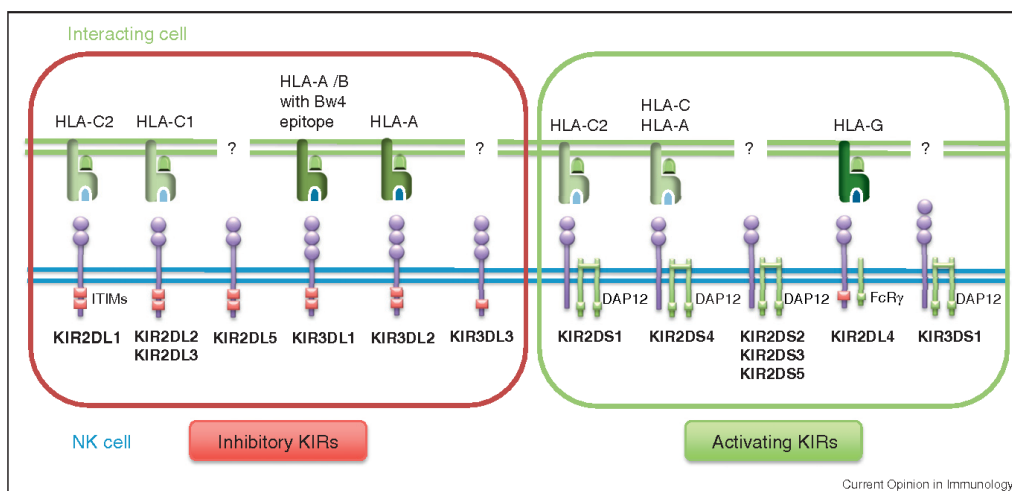
vání.

Jak je vidět na obrázku 2.2, cytoplasmatický ocásek může být dlouhý (long - L) nebo krátký (short - S). Oproti tomu imunoglobulinové domény se mohou vyskytovat 2 (2D) nebo 3 (3D).



Obrázek 2.2: Nomenklatura KIR genů. [7]

Další rozdělení KIR genů je již výše zmíněné inhibiční a aktivační. Na obrázku 2.3 je možné si povšimnout detailu, že až na KIR2DL4 jsou aktivační KIR s krátkým ocáskem, zatímco inhibiční jsou s dlouhým ocáskem. Obrázek dále uvádí vazebné ligandy pro jednotlivé receptory.



Obrázek 2.3: KIR geny a jejich vazebné ligandy. Pokud je v obrázku ? značí to, že pro daný receptor není znám vazebný ligand. [13]

Bylo popsáno celkem 15 exprimovaných KIR genů a 2 KIR pseudogeny. Pokud jde o vazebné partnery KIR (jejich ligandy), pak tyto jsou známy především pro inhibiční receptory a ve všech případech jde o HLA specifický I. třídy. Jedná se především o skupinu alel HLA-C alel lišících se aminokyselinným reziduem na pozicích 77 a 80 α - helixu molekuly HLA-C (7). Byla publikována rozsáhlá data ukazující 10na význam inhibičních KIR a jejich HLA ligand pro výsledek transplantace krvetvorných buněk.

KIR geny/receptory a jejich vazební partneři (ligandy) - fryčová ta tabulka tam byla zajímavá, stejná je i v té disertačce od Jindry odtamtu to asi bude lepší tak mě tak napadá jestli to A, B, C není náhodou I, II, III.. protože píšou že se jedná hlavně o molekuly HLA C a ne HLA jsou všechny z III class.

KIR geny jsou lokalizovány na chromosomu 19q13.4 v oblasti zvané „leukocyte receptor complex“ (LRC). Pro každý KIR gen navíc existují alelické varianty (Marsh et al, 2002; Hsu et al, 2002). Tak jako geny HLA systému se i KIR geny dědí podobně a to jako celý blok genů – haplotyp (viz obr. 3).

A je tam k tomu hezkej obrázek disertačka Jindra

Genetická diverzita KIR genů a genotypů připomíná diverzitu HLA systému. Přestože jsou geny kódující KIR a HLA lokalizované na různých chromozomech a segregují se tedy nezávisle, existují určité důkazy alespoň částečné koevoluce obou systémů. Lze tudíž předpokládat. U HLA restrihované populace lze tedy očekávat alespoň částečnou redukci v diverzitě KIR genů i genotypů. U HLA restrihované populace lze tedy očekávat alespoň částečnou

redukci v diverzitě KIR genů i genotypů.

Koevoluce je společný evoluční vývoj dvou či více druhů, při němž dochází k jejich vzájemnému přizpůsobování

Haplotypická variability KIR genů KIR geny se vyskytují ve dvou hlavních haplotypech A a B, které jsou definovány typem a počtem specifických KIR genů. Ta je způsobena variabilitou v počtu a v typu zastoupených KIR genů na daném haplotypu. Právě tato haplotypická diverzita je hlavním důvodem populační diverzity KIR genů a repertoáru NK buněk. Není žádné univerzální kritérium, které by je odlišovalo.

Skupina B je charakterizována přítomností alespoň jednoho nebo více z následujících genů KIR2DL5, KIR2DS1, KIR2DS2, KIR2DS3, KIR2DS5 a KIR3DS1.

Skupina A je charakterizována absencí těchto genů.

Proto mají B více aktivačních KIR než A. A může mít jen KIR2DS4.

Je tam obrázek zase u Jindry třeba.

U fryčovi jsem skončila na stránce 19. U Jindry jsem skončila na stránce 14.

2.6 bordel

exprimovaný gen / pseudogeny takže exprimovaný je ten který se propíše na povrch buňky a pseudogen je ten který se nepropíše na povrch buňky. Pseudogen je sekvence DNA, která je podobná genu, ale nedochází k jejímu přepisování v RNA (transkripci). Pseudogeny vznikají zpravidla určitou mutací, a to zejména v oblasti promotoru, regulační sekvence, [1] nebo sice RNA vzniká, ale je následně degradována.

NK buňky mají schopnost identifikovat molekuly vlastního MHC systému (Major Histocompatibility Complex), jmenovitě HLA I. třídy, které jsou normálně exprimovány prakticky na všech buňkách v těle. Nádorové a některé virem napadené buňky potlačují expresi HLA I. třídy a tím se brání napadení cytotoxickými T lymfocyty (Restifo, 1993). Snížená exprese HLA I. třídy činí abnormální buňky citlivé k cytotoxicitě NK buněk (Karre, 1986). Molekuly HLA I. třídy rozpoznávají NK buňky pomocí pozitivních a negativních 13 receptorů, které mohou inhibovat nebo naopak aktivovat NK buňky k „zabíjení“.

Pokud to můžeme principálně zjednodušit, pak NK buňky neustále systematicky „zkoumají“ přítomnost či absenci příslušných HLA ligandů pro své KIR receptory. Pokud je příslušný HLA ligand (HLA molekula) přítomen, pak dojde k vazbě KIR-ligand HLA a jelikož za normálních okolností vždy

inhibiční KIR převládají nad aktivačními, nedochází ke spuštění cytotoxické reakce NK buněk a takto jsou „vlastní“ buňky chráněny před cytotoxicitou (viz část A a především D na obr. 1). Pokud receptory KIR nenaleznou příslušný ligand HLA („vlastní“ molekulu HLA), nemůže být cytotoxicita příslušné NK buňky prostřednictvím inhibičních receptorů KIR a náležitá cytotoxická kaskáda je spuštěna

KIR jsou na povrchu NK buněk a kde jsou teda NK buňky? NK je v podstatě lymfocyt a to je typ bílé krvinky. jo a nebudou teda spíš v lymfatické uzlině? leukocyty 1. granulocyty - neutrofilní, bazofilní a eozinofilní 2. agranulocyty - lymfocyty a monocyty

neutrofilní granulocyty jsou schopny vycestovat z kapilár do místa zánětu přeměněné monocyty přítomné v játrech v tělních dutinách (hrudní, břišní), ve slezině vy lymfatických uzlinách a kostní dřeni

lymfocyty bílá krvinka je leukocyt - typ bílé krvinky - T a B lymfocyty - specifická imunita - NK buňky nespecifická imunita - vznikají v z lymfatických kmenových buněk v kostní dřeni Aha takže lymfatické řečiště je více propustné proto to co nejde do cév jde sem pak se to odfiltruje a pak se to vrací do krevního řečiště.

Velká buňka imunitního systému, nepotřebuje antigen aby začala zabíjet. -nespecifická imunita - vrozená, neadaptivní - veškeré potřebné informace zapsaná v DNA. Odpovídá při každém setkání s antigenem stejně - nemá paměť -> tedy si to pročiřečí

Molekuly HLA I. třídy rozpoznávají NK buňky pomocí pozitivních a negativních receptorů, které mohou inhibovat nebo naopak aktivovat NK buňky k „zabíjení“

Tato schopnost destruovat cílové buňky je právě dána vzájemnou interakcí mezi KIR receptory a příslušnou specifickou HLA molekulou na povrchu buněk, neboli ligandem KIR receptorů NK zabíjejí na základě interakce mezi KIR receptorem a HLA molekulou na povrchu buňky. možná něco o inhibičních a aktivačních KIR

NK buňky neustále systematicky testují přítomnost či absenci příslušných HLA ligand pro své KIR receptory. Pokud je přítomen dojde k vazbě KIR-ligand HLA a nedojde k cytotoxické reakci (schopnost ničit buňky) , ochrana vlastních buněk. Pokud je nenajdou a je spuštěna cytotoxická kaskáda. Některé virem napadané buňky nebo nádorové buňky potlačují expresi a tím se brání napadení cytotoxickými T lymfocyty snížená exprese HLA I. třídy činí abnormální buňky citlivé k cytotoxicitě NK buněk.

Molekuly HLA I. třídy rozpoznávají NK buňky pomocí pozitivních a negativních 13receptorů, které mohou inhibovat nebo naopak aktivovat NK

buňky k „zabíjení“

NK buňky mají schopnost identifikovat buňky vlastního MHC systému (HLA I. třídy) které jsou normálně exprimovány prakticky na všech buňkách v těle.

V užším slova smyslu se jako ligand označuje signální molekula, která se váže na vazebné místo cílového proteinu. Ligand, který je schopný po navázání na receptor vyvolat fyziologickou odpověď, se nazývá agonista, ten, který je schopen se vázat, ale odpověď nespouští, je antagonist

Lze-li stručně shrnout, pak NK buňky s potenciálem iniciovat cytotoxickou aloreakci používají KIRy jako inhibiční směrem k „vlastním“, zdravým buňkám. Pokud však příslušný vlastní ligand HLA na cílové buňce chybí, pak je iniciována cytotoxická reakce. Celý tento koncept interakce KIR/HLA a mechanismus regulace cytotoxicity NK buněk se nazývá „missing-self“ hypotéza (3). Tím je zaručena tolerance NK buněk k „vlastním“ a zdravým buňkám, naopak alogenní („cizí“) buňky, či buňky s „down“- regulovanou HLA molekulou (ligandem), což jsou typicky buňky nádorové či buňky napadené virem, jsou efektivně eliminovány

Ligand je atom, ion nebo molekula, poskytující jeden nebo více elektronových párů centrálnímu atomu. Ligand je součástí komplexných (koordináčních) zlúčenin. Každá komplexná zlúčenina obsahuje centrální atom (kation) a anion nebo neutrální komplex (ligand) -wikiskripta Ligand ve smyslu používaném v biochemii a farmakologii označuje látku, typicky malou molekulu, která vytváří komplex s biomolekulou a tato vazba má biologický význam. V užším slova smyslu se jako ligand označuje signální molekula, která se váže na vazebné místo cílového proteinu. Ligand, který je schopný po navázání na receptor vyvolat fyziologickou odpověď, se nazývá agonista, ten, který je schopen se vázat, ale odpověď nespouští, je antagonist - wikipedie Stručně lze shrnout, že NK buňky s potenciálem iniciovat cytotoxickou aloreakci používají KIR receptory jako inhibiční, směrem k „vlastním“, zdravým buňkám. Pokud však příslušný vlastní ligand HLA na cílové buňce chybí, pak dochází k iniciaci cytotoxické reakce. Proces interakce KIR/HLA a mechanismus regulace cytotoxicity NK buněk se jako celek nazývá 14. „missing-self“ hypotéza (Gasser a Raulet, 2006). Takto je zaručena tolerance NK buněk k „vlastním“ a zdravým buňkám, naopak „cizí“ alogenní buňky, buňky s „down“ – regulovaným HLA ligandem (molekulou), což jsou typicky buňky napadené virem a nádorové buňky, které jsou efektivně eliminovány

Tato schopnost destruovat cílové buňky je dána vzájemnou interakcí mezi KIR receptory a příslušnou specifickou HLA molekulou na povrchu buněk, neboli ligandem KIR receptorů.

2.6.1 Dědičnost KIR

Jelikož jsou geny kódovány na různých chromozomech (HLA 6 a KIR 19) takže HLA shodní dárce s příjemcem mají různé složení KIR genů. KIR má dva haplotypy A a B .. a pak asi můžeš dělat kombinace AA, AB a BB.

Bylo zjištěno, že specifické složení motivů centromerních a telomerních B haplotypů KIR genů přispívá k ochraně před relapsem a zvyšuje šanci na úplné vyléčení AML.

2.7 Jak funguje HLA

2.8 Jak funguje non-HLA

2.9 Bordel pro první kapitulu

Takže to vypadá že nejdřív se najde shoda HLA a pak se ještě dodělává KIR shoda. Proč KIR? protože roste počet důkazů vlivu genů KIR že mají vliv na výsledky transplantace při leukemii HLA je na 6. chromozomu KIR je 19 chromozomu. tudíž se segregují nezávisle a HLA shodní dárce s příjemcem mají obvykle různé složení KIR genů Nesmírná variabilita alel tohoto systému ztěžuje úspěšnost allogeních transplantací.

HLA jen zkopírováno a je ta i hezkej obrázek z Genové oblasti HLA komplexu, se nalézá na krátkém raménku 6. chromozomu (6p21.31), zaujímá úsek dlouhý 3600 kb (3,6cM), tedy přibližně jednu tisícinu genomu. Obsahuje 224 genů; 128 funkčních genů a 96 pseudogenů a patří k regionům s nejvyšší genovou hustotou.

Uprostřed HLA oblasti se nachází úsek o velikosti 1 Mb, ve kterém bylo identifikováno na 70 genů, které se funkčně ani strukturně nepodobají HLA molekulám. Navzdory této skutečnosti se vřelo označení geny III. třídy, přičemž některé geny původně zařazené do této třídy jsou nověji označovány jako geny IV. třídy (viz. výše).

Dědičnost HLA geny jsou děděny autozomálně kodominantně a vykazují mendelistický typ dědičnosti. Počet rekombinací v HLA systému je řídký, vyskytuje se přibližně v 1 případě a častěji u žen. Celá oblast od HLA-F až po HLA-DP se přenáší z rodičů na potomstvo jako haplotyp. V rámci rodiny se mohou vyskytnout teoreticky 4 různé kombinace rodičovských haplotypů, takže sourozenci mohou být navzájem buď HLA identičtí, haploidentičtí (mají jeden haplotyp, v druhém se liší), anebo rozdílní. Rodiče jsou vůči svým dětem vždy haploidentičtí [5]. Z genetického hlediska

významný fenomén představuje existence vazebné nerovnováhy (linkage disequilibrium) v rámci HLA. Mnoho HLA genů se nalézá v tak těsné blízkosti, že se přenášejí z rodičů na potomky téměř vždy společně. V důsledku této skutečnosti se v populaci vyskytují některé kombinace alel různých genů častěji, než by se očekávalo. Vazebná nerovnováha je významným faktorem v asociaci HLA antigenů s chorobami, protože mnohá onemocnění se v jejím důsledku váží s více antigeny.

Non-HLA geny Non-HLA geny jsou geny které se nepodílejí na základní funkci HLA systému. Z III třídy jsou to všechny, z II žádný a z I je to směr. Zjednodušeně můžeme říci, že geny které nejsou HLA jsou non-HLA. Tyto geny souvisejí též s funkcí imunitního systému, ne však výlučně s funkcí HLA.

lymfocyty bílá krvinka je leukocyt - typ bílé krvinky - T a B lymfocyty - specifická imunita - NK buňky nespecifická imunita - vznikají v z lymfatických kmenových buněk v kostní dřeni Aha takže lymfatické řečiště je více propustné proto to co nejde do cév jde sem pak se to odfiltruje a pak se to vrací do krevního řečiště.

KIR jsou na povrchu NK buněk a kde jsou teda NK buňky? NK je v podstatě lymfocyt a to je typ bílé krvinky. jo a nebudou teda spíš v lymfatické uzlině? leukocyty 1. granulocyty - neutrofilní, bazofilní a eozinofilní 2. agranulocyty - lymfocyty a monocyty

neutrofilní granulocyty jsou schopny vycestovat z kapilár do místa zánětu přeměněné monocyty přítomné v játrech v tělních dutinách (hrudní, břišní), ve slezině vy lymfatických uzlinách a kostní dřeni

KIR KIR jsou teda jak na HLA tak na non-HLA? Je to součástí genu - řadí se do přirozené (nespecifické) imunity narozdíl od B-buněk a T-buněk. - NK buňky představují 10-15% lymfocitů v periferní krvi - jsou to buňky které reagují rychle a efektivně likvidují především nádorové buňky a buňky infokované virem

NK nemají antigenné specifické receptory, jak rozeznávají abnormální buňky? NK buňky identifikují molekuly vlastního MHC systému

jmenovitě HLA I. třídy, které jsou normálně exprimovány prakticky na všech buňkách v těle. Nádorové a některé virem napadené buňky potlačují expresi HLA I. třídy a tím se brání napadení cytotoxickými T lymfocyty (Restifo, 1993). Snížená exprese HLA I. třídy činí abnormální buňky citlivé k cytotoxicitě NK buněk (Karre, 1986). Molekuly HLA I. třídy rozpoznávají NK buňky pomocí pozitivních a negativních receptorů, které mohou inhibovat nebo naopak aktivovat NK buňky k „zabíjení“

Stručně lze shrnout, že NK buňky s potenciálem iniciovat cytotoxickou aloreakci používají KIR receptory jako inhibiční, směrem k „vlastním“, zdra-

vým buňkám. Pokud však příslušný vlastní ligand HLA na cílové buňce chybí, pak dochází k iniciaci cytotoxické reakce. Proces interakce KIR/HLA a mechanismus regulace cytotoxicity NK buněk se jako

receptory imunoglobulinové (protilátka - protein, který je schopen jako součást imunitního systému identifikovat a zneškodnit cizí objekty - bakterie a viry) v těle. Protilátky jsou nositeli humorální imunity. Jsou to krevní bílkoviny vznikající v mízní tkáni. povahy nacházejících se na povrchu Natural killers buněk a některých T-buněk (Variabilita v sekvenci).

KIR3D - prej tři skupiny ale to fakt divně popsany (českej článek) něco s imunoglobulinovými doménami KIR2D

funkce KIR -

these genes are encoded on chromosome 19. NK zabíjejí na základně interakce mezi KIR receptorem a HLA molekulou na povrchu buněk. Mohou mít různé podoby.

HLA i KIR jsou na různých chromozomech proto se segregují nezávisle a HLA schodni darcí mají obvykle různé složení KIR genů

Struktura nukleových kyselin

jen skopírované z Nukleové kyseliny (polynukleotidy) jsou tvořeny dlouhými řetězci (mono)nukleotidů, vzájemně spojených fosfodiesterovými vazbami. Řadíme je k tzv.heteropolymérům, neboť jsou sestaveny z různých typů základních jednotek. Tato skutečnost je podstatná pro uchovávání a předávání informace, což je základní funkce nukleových kyselin v organismu. Homopolyméry (např. glykogen) obsahují pouze jeden typ monoméru (v našem případě glukózu), a tak nemohou plnit informační funkci.

2.10 Sekvence DNA

Je posloupnost písmen představující primární strukturu reálné nebo hypotetické molekuly či vlákna DNA, které má kapacitu nést informaci. označuje se buď nukleotidy nebo nukleové báze Používaná písmena A, C, G a T reprezentují čtyři nukleotidy ve vláknu DNA – adenin, cytosin, guanin a thymin, lišící se typem báze kovalentně vázané k fosfátové páteři. Posloupnost libovolného množství nukleotidů většího než čtyři lze nazývat sekvencí. Obvykle se sekvence vypisuje bez mezer, např. AAAGTCTGAC, ve směru 5 -> 3. Vzhledem k biologickým funkcím, které mohou záviset na kontextu, sekvence buďto mají anebo nemají smysl a jsou tedy kódující nebo nekódující DNA. Typem nekódující sekvence DNA je také tzv. „junk DNA“.

TO je z wiki bacha na to.

2.11 Alela a gen

Alelu můžeme definovat jako variantu genu, která má nepatrný rozdíl v sekvenci nukleotidů DNA oproti jiné alele stejného genu. Geny se vyskytují minimálně ve dvou formách (dvou alelách), mnohdy jich, ale může být více. U jednoho člověka můžou být přítomny pouze dvě rozdílné alely daného genu.

TODO: Když najdu novou sekvenci tak kde je rozdíl jestli je to nový gen nebo nová alela? Není to tak že na daný pozici v genu je vždycky gen.. a alela určuje tu vlastnost? Teda že gen nám řekne ano tenhle živočich má oči a alela mi řekne že oči jsou modré? TODO: možná do přílohy by se dalo dát jak vypadají dvě alely jednoho genu

Alela zajišťuje konkrétní fenotypový projev genu. U jedince mohou na homologních jaderných chromozomech být přítomny pouze dvě alely. Když jsou v párových lokusech obě alely shodné, jde buď o dominantního homozygota (AA) nebo o recesivního homozygota (aa). Když jsou na párových chromozomech v daném lokusu přítomny různé alely, jde o heterozygota (Aa). Značení alel vzniká dohodou. GEN je KIR3DP1 alela je *001 nebo *002

Zápis genů jak snimi budeme pracovat může vypadat následujícím způsobem: GTTCGGGAGGTTGGATCTGAGACGTGTTGTGAGTTGGTCA-TAGTGAAGGACGTGAGGTGC Nemělo by tohle být uvedený až za sekvencí genů nebo možná sekvence genu by se dala dát sem.. tady to bude takový obecný a pak se tam bude dál rozebírat non hla a a hla ..

KIR:KIR00087 KIR3DP1*001 5713 bp GTTCGGGAGGTTGGATCTGAGACGTGTTGTGAGTTGGTCATAGTGAAGGACGTGAGGTGC

HLA nomenklatura - zase jen skopírováno Vysoký stupeň polymorfismu HLA systému zohledňují platné zásady pro označování HLA alel dané Světovou zdravotnickou organizací WHO (WHO nomenklatura). Princip je jednoduchý: Každá alela je definována písemným označením lokusu následovaným hvězdičkou (HLA-DRB1*), a poté kombinací 4 číslic (*0401), přičemž první dvojčíslí určuje sérologickou specifitu dané alely, druhé pak označuje alelu na základě její aminokyselinové sekvence. Případné páté číslo charakterizuje tzv. "tichou" variantu alely, tzn. záměnu nukleotidů bez změny aminokyselinové sekvence.

2.11.1 Alely KIR genů

Když budu mít třeba gen KIR2DL1 tak jeho alely jsou 2DL1*0010101 nebo 2DL1*0010102

jestli to chápu tak gen mi určuje že budu mít oko a alela mi určuje jakou

barvu to oko bude mít.

3 Sekvenační metody získávání DNA dat

Sekvenování DNA, někdy pouze sekvenování, jsou biochemické metody, kterými se zjišťuje pořadí nukleotidů (A, C, G, T) v sekvenci DNA. Sekvenační metody se liší zejména délkou řetězce kterou dokáží zpracovat, cenou a rychlostí sekvenace. Většina sekvenačních metod využívá vlastnosti přitahování báze do páru pouze jednou konkrétní bází. To znamená že se adenin vždy páruje s thyminem a cytosin se vždy páruje s guaninem. Z těchto párů vzniká již známá dvojité šroubovice DNA. [4]

Sekvenační metody s elíší především rychlostí a cenou.

Dodat roztrhání a že délka řetězce taky hraje roly a možná do téhle kapitoly dát co je to sekvence DNA

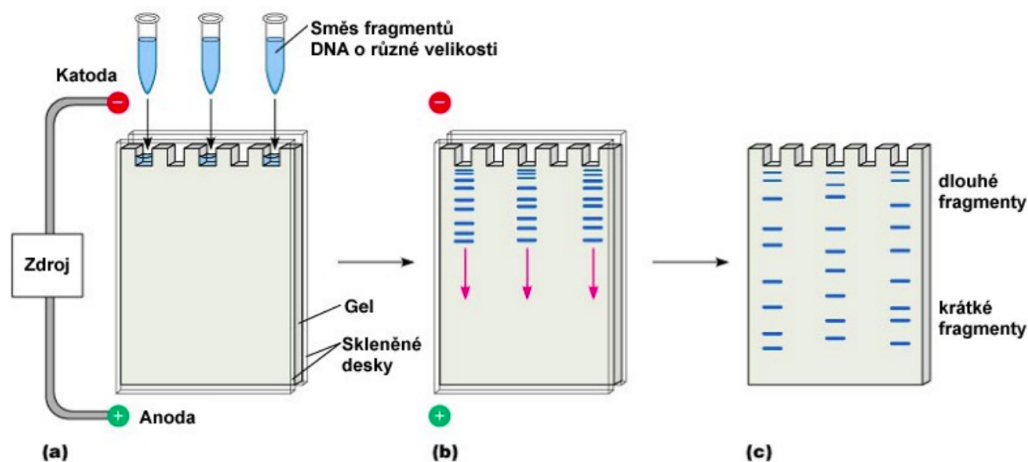
možná tady ještě napsat něco o přípravě na sekvenování - je to dyžtak v té přednášce co nám říkala na FAV

Někdy se sekvenují pouze jisté části genomu které mají pro výzkumníka v daném okamžiku význam. Užitečné nejen ve výzkumu ale i v diagnostice nemocí či forenzní medicíně.

3.1 Sanger sequencing

Vzájemné přitahování konkrétních bází umožňuje řetězce namnožit. V prvním kroce replikace jsou nastříhané řetězce rozděleny na dvě vlákna. Lze si představit, že tyto dvě oddělená vlákna jsou dána do směsi, kde plavou jednotlivé nukleotydy spolu s upravenými nukleotidy, které nesou specifickou fluorescenční barvu a na které a za které není možné nic navázat. Následně za pomoci střídání tepoty volně plující nukleotidy tvoří postupné páry s řetězcem, který chceme namnožit. Pokud se povede celý řetězec namnožit je odtržen a může se dále množit. Postupně ale bude docházet k navazování nukleotidů s fluorescenční barvou. Tím se vytvoří několik různě dlouhých sekvencí zakončených označeným nukleotidem. Podle jeho barvy je možné poznat o jaký nukleotid se jedná. Následně jsou za pomoci elektroforézy seřazeny v gelu podle délky. Elektroforéza rozděluje různě dlouhé sekvence na základně odlišnosti pohybu v elektrickém poli. Kratší doputují dále než

delší.



Obrázek 3.1: Elektroforéza. [8]

Mezi hlavní metodu patří sanger sekvenování oproti jiným je pomalé a spíše se používá k porovnání s novějšími metodami. TODO možná sem ještě přidat obrázek tý destičky.. ale zatím se nenašla nějaká hezká.

U KIR jsou 2 hlavní typy haplotyp A a B, které jsou definovány typem a počtem specifických KIR genů. Neexistuje žádné jednoduché univerzální kritérium definující a odlišující tyto haplotypy.

3.2 NGS next-generation sekvenování

Next-generation sekvenování někdy označováno jako metody druhé generace. V porovnání se Sangerovo sekvenování jsou tyto metody rychlejší a levnější. NGS metody jsou schopné detakovat přidávání bází jednu po druhé a zároveň

Někdy označováno jako metody druhé generace

jsou schopny detekovat přidávání bází jednu po druhé a zároveň sekvenovat tisíce až miliony rozdílných molekul DNA na jednou.

hlavní nevýhodou oproti sanger je krátká maximální délka výsledných sekvencí. od 100 až po 500 bází (sanger nabízí až 1000 bází) menší přesnost a častější chyby nejdříve nastříhané na malé krátké části na konec přilepen adaptér - velmi krátká molekula DNA o přesně dané sekvenci - slouží k následnému navázání sekvenovaného úseku na pevných povrch. Takto upravené

DNA se říká sekvenační knihovna po uchycení pomocí adaptéru je každý řetězec DNA namnožen čímž vznikne klastř identických molekul DNA koncentrovaných v jednom místě tato koncentrace posílí výsledný signál zachycený kamerou neboť signál z pouhé jedné molekuly DNA by nebyl dostatečně silný

Je rychlé a relativně nenáročné zpracování jednotlivých vzorků. Tisíce až miliony sekvencí mohou být produkovány během jednoho sekvenčního procesu. K popularitě této metody nepomohla i komerciaze cenově dostupných stolních sekvenátorů.

3.2.1 454 sekvenování a Ion Torrent

454 bylo vypuštěno do světa v roce 2005. Dokáže analyzovat více než milion molekul DNA najednou a délka každé jednotlivé sekvence se pohybuje okolo 700 až 1000 bází.

V prvním kroku sekvenování je molekula DNA přichycena na malou "kuličku" na jejímž povrchu se postupně namnoží až kuličku zcela pokryjí identické molekuly DNA. Následuje vložení kuličky i s DNA do jedné z milionů komůrek na destičce s reakční směsí. V určitém momentě je do této směsi přidán vždy jen jeden typ báze. Mezi jednotlivými fázemi přidávání určité báze jsou přebytečné nukleotidy z předešlého kroku odstraněny. To znamená že v reakční směsi je vždy jen jeden typ nukleotidů. Během vložení každé nové báze do rostoucího řetězce DNA je uvolněna molekula zvaná pyrofosfát. Tento pyrofosfát se následně spustí několik chemických reakcí. V poslední fázi enzym luciferáza vydá světelný záblesk, který je možné zachytit citlivou kamerou. Tento postup se nazývá pyrosekvenování. V případě kdy je do řetězce přidáno několik stejných bází za sebou, například gen obsahuje podřetězec AAA, je vyzařeno, v našem případě, třikrát více světla než v případě jedné přiřazené báze. Kamera snímá celou destičku a na základě, která komůrka se rozsvítí pozná kde proběhlo přidání báze. Intenzita světla pak určuje kolik bází bylo přidáno na jednu.

Sekvenování Ion Torrent funguje na podobném principu sekvenování s rozdílem, že místo světla se měří změna pH v reakční směsi. Podle intenzity změny pH pak pozná kolik nukleotidů bylo přidáno do rostoucího řetězce.

Hlavní slabinou těchto dvou metod je značná chybovost při přidání mnoha stejných nukleotidů do řetězce za sebou. Například při přidání 10 A, nebude odpověď jednoznačná zda je to 10 A nebo 9.

3.2.2 Illumina

Při sekvenování pomocí Illumina jsou páry dvoušrobovice rozděleny na dva řetězce. Jednotlivé řetězce jsou následně přichyceny na malou destičku pomocí adaptéru. Každý řetězec se následně opakovaně množí až na destičce vznikne několik shluků. Přidání jedné molekuly ke druhé probíhá obdobně jako u Sanger sekvenování. Každý shluk tvoří jednu skupinu vzájemně identických řetězců. Mezi volné nukleotidy jsou opět zahrnuty nukleotidy označená fluorescenční barvou za které nelze nic navázat. Oproti sangerovu sekvenování je ale tato blokáce vratná a po přečtení citlivou kamerou dojde k odstranění blukující části molekuly. Počítač si pak následně zpětně spočítá co to bylo za barvu (nukleotid.) Nejčastější chybou je špatně určené písmenko

Dokáže sekvenovat až 900 miliard? bází najednou. potřebuje kratší sekvence - stovky bází

Je tam hezká tabulka porovnání tak by se sem mohla taky dát

3.2.3 SOLiD

SOLiD (Sequencing by Oligonucleotide Ligation and Detection) narozdíl od předchozích nespolehá na enzym DNA polymerázu, ale na enzym ligáza, který umí připojit části jednořetězcových molekul DNA k stávajícím řetězcům DNA.

Zjednodušeně lze říci, že při SOLiD sekvenování se k templátu přidávají kousky DNA, tzv. sondy, které začínají všemi možnými dvojkombinacemi čtyř základních nukleotidů, tedy 16 různých sond. Každá sonda také nese jednu ze čtyř fluorescenčních značení, což znamená, že čtyři různé dvojkombinace nukleotidů jsou označeny stejnou fluorescenční značkou. V každém kroku pak enzym ligáza připojí k rostoucímu novému řetězci sondu nesoucí dvojkombinaci nukleotidů odpovídající templátové DNA a snímač přečte její fluorescenční značení, které je poté odstraněno a může se připojit další sonda. Aby došlo k přečtení kompletní sekvence, je jedna templátová molekula čtena opakovaně, ale „začátek“ čtení se vždy posune o jeden nukleotid, a každá báze je tak přečtena několikrát. Z kombinace znalosti sekvence adaptéru, kterým sekvenovaná DNA začíná, a výsledného signálu čtyř fluorescenčních barev, jak jdou po sobě v jednotlivých čteních, lze odvodit výslednou DNA sekvenci. SOLiD sekvenování má podobný výstup jako Illumina a produkuje rovněž krátké sekvence (maximálně 100 bází). SOLiD má problémy se čtením palindromických úseků (sekvencí shodných u obou komplementárních řetězců), jež mohou vytvářet smyčku v templátové DNA, která je pak nepřístupná pro nasednutí

3.3 Metody třetí generace

Narozdíl od drohé generace není DNA templat před sekvenováním nijak namnožen a tak je čten jen z jediné původní molekuly.

Například PacBio od Pacific Bioscience k detekci sekvence také využívá fluoresenčně značené nukleotidy. vysoká citlivost umožňuje v reálném čase zaznamenávat zařazení byť jediného nukleotidu do jediného řetězce DNA.

Oxford Nanopore Zde je jednořetězcová molekula DNA protahována mikroskopickým pórem na syntetické membráně. Protože každá DNA báze má trochu jiný tvar, dochází při protahování k odlišnému „ucpání“ póru a citlivé snímače přístroje dokážou zjistit, jak výrazně je pór v danou chvíli „zaplněn“, a tedy jaká báze v daný okamžik membránou prochází. výhoda je velikost .. je to malý kapesní přístroj který se dá přes USB připojit k počítači.

obě jsou schopné přečíst 10 i více tisíc bází v rámci jedné analyzované molekuly DNA a

vysoká frekvence chyb 10-15 procent

sekvenování celého genomu pomocí sangerova metody stálo několik miliard dolarů a trvalo zhruba 10 let. dnes by to stálo zhruba desítky tisíc dolarů

největší problém u sekvenování je že jsou roztríhané na malé části a pak je musíme zpět poskládat zpět.

zajímavost

Další metodou, která se dočkala rozmachu díky sekvenování druhé generace, je sekvenování transkriptomů (viz Živa 2016, 2: 61–63 a 3: 104–106). Při této metodě se místo kompletního genomu zjišťuje sek - vence pouze aktivních genů, tedy genů, které jsou v buňkách v danou chvíli přepisovány do mediátorové RNA (mRNA) a překládány do proteinů. Při sekvenování transkriptomů se nejdříve získá veškerá mRNA z daného organismu (nebo jen z urči - té tkáně, orgánu apod.) a přepíše se do DNA molekuly zvané copy DNA (cDNA). Teprve tato DNA je následně sekvenována. Výhoda sekvenace transkriptomů oproti celým genomům spočívá v získání sekvencí genů bez balastní (nepotřebné) nekódující části genomové DNA. Nekódující DNA totiž často tvoří podstatnou část genomu organismu a sekvence jednotlivých genů je proto potřeba v této záplavě pracně hledat, což se ne vždy spolehlivě daří.

Pomocí sekvenování transkriptomů také můžeme studovat odlišnou expresi (míru přepisu) jednotlivých genů v závislosti na vnějších nebo vnitřních podmínkách. Zpravidla porovnáváme transkripty získané z organismu nacházejícího se ve dvou či více různých „stavech“ – např. pěstova - ného při různých teplotách nebo ve zdravém či nemocném stavu apod. Porovnáním

přítomnosti a četnosti sekvencí jednotlivých genů lze určit, které geny jsou v příslušné „fázi“ aktivnější, a tedy nejspíše zodpovídají za reakci daného organismu na tento „stav“, třeba na změnu teploty nebo onemocnění.

Další novinkou vzešlou z dílny sekvenování druhé generace je sekvenování „exomu“. Místo celého genomu nebo v danou chvíli aktivních genů (transkriptomů) se věnujeme pouze kódující části genomu, tedy geny jako takové, bez intronů (Pozn.: U většiny eukaryotických organismů se většina genů skládá z exonů a intronů. Exony představují kódující část genu, zatímco introny nic nekódují, a proto jsou před přeložením do patřičného genomového produktu vystřiženy.). Samozřejmě předem potřebujeme velmi dobře znát genom daného organismu a hranice jednotlivých.

kódujících částí příslušných genů. Tato metoda se často používá při klinických studiích některých geneticky podmíněných chorob. V takovém případě lze porovnat exomy jedinců trpících poruchou a jedinců zdravých, a následně tak identifikovat mutace, které jsou pravděpodobně zodpovědné za nástup nemoci. Právě cenová dostupnost a vysoká efektivita metod sekvenování druhé generace dnes umožňuje zkoumat a rozpoznat příčiny řady vzácných a dříve málo studovaných genetických poruch.

3.4 Read

In DNA sequencing, a read is an inferred sequence of base pairs (or base pair probabilities) corresponding to all or part of a single DNA fragment. A typical sequencing experiment involves fragmentation of the genome into millions of molecules, which are size-selected and ligated to adapters. The set of fragments is referred to as a sequencing library, which is sequenced to produce a set of reads. Je to z wiki zase

V DNA sekvenování, read je odvozená sekvece párů bází odpovídající celému fragmentu DNA nebo jeho části. To znamená, že read je kus DNA, který by mohl odpovídat nějakému konkrétnímu genu?

Pak tam ještě bylo psáno něco o read length. Sekvenační technologie se liší v délce vyrobených readů. Ready díky 20-40 párům bází (bp) jsou ultrakrátké. Typická sekvenační metoda vytváří ready délky 100 až 500 bp.

Sekvenační platforma (Illumina) - podle toho se pak připravuje ta sekvenační knihovna.

DNA knihovny - podle wikiskripta

DNA knihovny jsou kolekce klonovaných DNA fragmentů genomu ur-

čitého organismu (cDNA), které jsou skladovány uvnitř hostitelských organismů (zejména bakterií). cDNA (copy DNA, complementary DNA) je získávána přepisem z mRNA pomocí enzymu reverzní transkriptázy.

Kvalita knihovny Při přípravě sekvenční knihovny je důležité získat co nejvyšší úroveň složitosti. Jinými slovy, je důležité, aby konečná knihovna co nejvíce odrážela jedinečnost výchozího materiálu. Tento výsledek lze získat především omezením počtu segmentových duplikací. Čím kratší jsou fragmenty, tím vyšší je pravděpodobnost, že jsou fragmenty méně specifické a mohou se zarovnat na více než jednom lokusu referenční sekvence. Složitost knihovny lze tedy v podstatě měřit procentem duplicitních čtení, které jsou přítomny v sekvenčních datech

READY - zase wikipedie In DNA sequencing, a read is an inferred sequence of base pairs (or base pair probabilities) corresponding to all or part of a single DNA fragment. A typical sequencing experiment involves fragmentation of the genome into millions of molecules, which are size-selected and ligated to adapters. The set of fragments is referred to as a sequencing library, which is sequenced to produce a set of reads

Sekvenování mRNA s použitím NGS technologií umožňuje měření genové exprese celého transkriptomu. Postup a provedení RNA-seq experimentu je znázorněn na obr. 14. Prvním úkolem je vyčistit zkoumaný vzorek o rRNA, tRNA a mitochondriální RNA, které u prokaryot i eukaryot tvoří přibližně 75 procent všech RNA molekul. Navzdory použití purifikačních metod, mezi které patří například poly(A)purifikace a DNS normalizace, sekvenační data mohou obsahovat menší množství těchto RNA molekul [59]. Ty mohou být odfiltrovány v následujících krocích bioinformatickými postupy. Zbylá mRNA je poté nastříhána na menší části, a je z ní připravena knihovna krátkých fragmentů s navázanými adaptory. Ty jsou poté sekvenovány sekvenačním přístrojem a jako výsledek získáme tzv. ready. Anglické slovo 'read' značí datovou reprezentaci krátké sekvence DNA obvykle 50-150 bp dlouhou, která byla vyprodukována sekvenačním přístrojem. Samotné ready však nemají žádnou vypovídající hodnotu, a proto jsou dále bioinformaticky zpracovány. Namapováním na referenční sekvenci zjistíme jejich genomickou pozici, ze které byly odvozeny. Většina readů je namapována na exony, což jsou transkripčně aktivní jednotky, a pouze malé množství readů je namapováno na transposony. Ready které nejde namapovat v celku, jsou rozděleny na menší části a ty jsou namapovávány zvlášť. Rozdělené ready umožňují jednodušší identifikaci mezer mezi exony (angl. splice junctions) tohle je z tý diplomky single-pair

3.5 Bordel

SANGER Vybraná sekvence se vloží do reakční směsi s radioaktivně označeným primer

Během procesu replikace jsou řetězce rozděleny na dvě vlákna. V praxi to není tak snadné a hrají roli i další proteiny. Mezi nukleotydy plavou i upravené nukleotidy které nesou specifickou fluorescenční barvu a za ně už není možné aby s něčím nevázano. Podle barvy poznáme o jakou bázi se jedná. Náhodným přerušováním syntézy vznikají různě dlouhé molekuly.

Výhody dlouhá délka sekvencí které se dají sekvenovat jedinou reakcí a vysoká přenosnost čtení v rámci celého procesu dochází k sekvenování pouze jednoho úseku DNA vysoká cena a nízká rychlost K sekvenaci se používá gelová elektroforéza použitelná k sekvenování krátké sekvence jednovláknové DNA. využívá biologického procesu replikace DNA Vybraná sekvence se vloží do reakční směsi s radioaktivně označeným primer rozdělí se to na přibližně namnoží se to .. pak se to hodí do něčeho co nakonci svítí tak ty se navážou na příslušný konec.. pak to pustíme do gelu .. nejkratší projedou nejdál nejdelší zůstanou co nejbliž a podle toho pak sestavuju jak ta sekvence vypadá Sekvenování DNA je souhrnný termín pro biochemické metody, jimiž se zjišťuje pořadí nukleových bází (A, C, G, T) v sekvencích DNA. Tyto sekvence jsou součástí dědičné informace v jádru. Adenin s thyminem a cytosin s guaninem.

zjišťování primární struktury nukleových kyselin (sekvenování) Někdy se sekvenují pouze jisté části genomu které mají pro výzkumníka v daném okamžiku význam. Užitečné nejen ve výzkumu ale i v diagnostice nemocí či forenzní medicíně.

454 , kde probíhá sekvenační reakce na principu pyrosekvenování.

Pyrosekvenování se založeno na skutečnosti, že během vložení každé nové báze do rostoucího řetězce DNA se uvolní molekula zvaná pyrofosfát (proto pyrosekvenování). Uvolněný pyrofosfát se posléze stane součástí několika na sebe navazujících enzymatických reakcí, na jejichž konci čeká enzym luciferáza Ten vydá světelný záblesk, jenž lze zachytit vysoce citlivou kamerou

Při 454 sekvenování je v určitém momentě přidán do reakční směsi vždy pouze jeden typ báze a v okamžiku, kdy je tato báze vložena do rostoucího řetězce DNA, dojde přes uvolněný pyrofosfát a luciferázu ke světelnému záblesku. Pokud je do rostoucího řetězce DNA zařazeno několik stejných bází za sebou, např. když DNA molekula templátu obsahuje sekvenci AAA a je tedy přidáno třikrát T, vyzáří se třikrát více světla než v případě přiřazení jednoho T

. Kamera snímá celou destičku a podle toho, která komůrka se rozsvítí, pozná, kde proběhlo přidání báze, a podle intenzity světla kolik bází bylo přidáno najednou

Nukleotidy jsou přidávány jeden po druhém a mezi jednotlivými dochází k odstranění přebytečných nukleotidů. takže v reakční směsi je vždy jen jeden typ nukleotidů.

Ion Torrent je na podobném principu jako pyrosekvenování ale neměří světlo ale změnu pH v reakční směsi. Podle intenzity změny pH

protože spolehnou na sílu signálu aby věděli kolik bází bylo přidáno nejednou mají obě metody problém se čtením delších řetězců obsahující práce jen jednu bázi například AAAAAA. nebude jednoznačná odpověď zda je to 9 A nebo 10.

Illumina Dokáže sekvenovat až 900 miliard? bází najednou. potřebuje kratší sekvence - stovky bází pomocí adaptéru přichyceny molekuly DNA na malou destičku

Každá molekula DNA se pak opakovaně namnoží, až na destičce vznikne mozaika milionů klastrů, přičemž každou skupinu tvoří vzájemně identické molekuly. Vlastní sekvenovací proces pak využije - vá podobného mechanismu jako Sangerovo sekvenování, kdy jsou do rostoucího řetězce zařazeny báze s navázanou fluorescenční barvou (každé písmeno má specifickou barvu), které syntézu zastaví.

tato blokáda je oproti Sangerovi vratná popřičtení citlivou kamerou dojde k odstranění fluorescenčního značení i blokující části molekuly a může se pokračovat

kamera snímá celou destičku a podle rozdílné fluorescence pozná co bylo přidáno u každého z milionů skupin

počítač si to pak zpětně přechrupá krok po kroku.

nejčastější chybou je špatně přečtené písmenko. jinak má 99 procentní úspěšnost

4 Analyza dostupných bioinformatických nástrojů pro zpracování NGS dat

4.1 Referenční genomy

Referenční geny byli převzaty z <http://www.ebi.ac.uk/ipd/kir/> All files in this folder are provided in the FASTA sequence format. Please note the FASTA format contains no alignment information.

Files designated “X_prot.fasta”, where X is a locus or gene, contain protein sequences. Please note that alleles that contain non-coding variations may be identical at the protein level.

Files designated “X_nuc.fasta”, where X is a locus or gene, contain the nucleotide coding sequences (CDS). Please note that alleles that contain non-coding variations may be identical at the CDS level.

Files designated “X_gen.fasta”, where X is a locus or gene, contain genomic DNA sequences. Please note for alleles that do not possess genomic sequences, there will be no entry in the file.

4.2 ART

ART (next-generation sequencing read simulator) je sada simulačních nástrojů, které generují syntetické ready, jako kdyby byli získány sekvenováním pomocí NGS. Nástroj ART dokáže simulovat ready ze sekvenátorů Illumina, 454 společnosti Roche a SOLid od společnosti Applied Biosystems. Ready, vytvořené nástrojem ART jsou používány pro testování a analýzu nástrojů zpracovávající právě NGS sekvence jako například zarovnávací (nástroj Bowtie).

ART je implementován v jazyce C++ a je dostupný s licencí GPL verze 3 pro operační systémy Linux, MacOS a Windows. Je možné ho použít i jako C++ package. Pro jeho spuštění je nutné mít nainstalovaný kompilátor GNU g++ 4.0 nebo vyšší a knihovnu GNU gsl.

Data získána z FN Plzeň byla sekvenována nástrojem Illumina proto i syn-

tetické ready budou simulovat tento sekvenátor. Výstupy se čtou ve formátu FASTQ a zarovnání ve formátu ALN. může generovat zarovnávaní také ve formátu SAM nebo UCS BED. [2]

4.2.1 pokus to nejak spustit

Takze kdyz otebru hlavni readme tak mi to riká že tam jsou read me pro jednotlivy verze sekvenatoru .. jako je ilumina , 454 a solid. A píšou že by měl mít člověk GNU g++ 4.0 nebo above (to je vyšší než) A GNU gsl library

pak se to musí skompilovat

`./configure --prefix=$HOME make make install`

teď mě zajímá ta ilumina tak podle readme ilumina tak můžu vlést do složky examples a tam pustit skript `run_test_examples_illumina.sh` , tak tam jsou 4 příklady použití a pokud asi všechno dobře proběhne tak se mi zobrazí pár nových souborů ve složce examples..

FASTQ - *.fq data file s ready. pro paired-end simulator *1.fq obsahuje data pro první ready a *2.fq druhý ready

tohle nějak funguje MSv3 tam musím dát abych to mohla dostat na délku readu 250 a p znací že to je paired..

4.2.2 FASTQ

Sekvenační přístroje produkují data ve formátu FASTQ takže i ART musí logicky generovat tenhle formát. Pokud jsou ready v páru tak je na konci .1 a druhý read z páru tam má .2 to jsem u těch svých přímo nenašla

ale máš teda tři druhy single end, paired-end a matepair.

FASTQ obsahuje obě základy sekvence ?? both sequence bases a kvality skóre je to v následujícím formátu @read_id sequence read + base quality scores je kódovány by ascii code of a single character, kde je kvalita rovná score to ascii code character minus 33. chápu proč tam je to -33 protože když se podíváš do ascii tabulky tak je tam od 33 první normální znak jinak jsou tam divný .. takže třeba otazník je v ascii na 63 takže -33 takže má ohodnocení kvality 30 jen by mě teda zajímalo v jakém sme intervalu? - je 45 v ascii a nevím jestli to je teda od 0 do 100? a teda nejvyšší číslo znamená nej kvalitnější a nejmenší mín kvalitní? Podle té diplomky to tak je že čím vyšší číslo tím kvalitnější a většinou je to od 0 do 40 jen zřídka to překročí hodnotu 60, když je tam 10 tak to znamená že jedna báze z deseti je špatně.. když je tam 30 tak to znamená že jedna z 1000 je špatně. já tam mám třeba F a to je 70.

example: @refid-4028550-1 caacgccactcagcaatgatcggtttattcacgat... +

ALN - zarovnání readů zase *1.aln pro první a *2.aln pro druhý soubor je rozdělen na hlavičku a body část obsahuje hlavičku a v té hlavičce je jakým příkazem byl soubor vygenerován a reference na sequence id a jejich délku @CM tag pro příkaz a @SQ pro reference sequence Hlavička vždycky začíná s

HEADER EXAMPLE

v body jsou všechny zarovnání

aln_start_pos označuje počáteční pozici v referenci sekvenční, je vždy relativní vzhledem k vláknům referenční sekvenční To znamená že aln_start_pos plus (10) vlákno je odlišný od aln_start_pos minus (-) vlákna.. ??? WHAT???

ref_seq_aligned je zarovnaná oblast referenční sekvenční, která může být plus vlákno nebo mínus vlákno referenční sekvenční ref_seq_aligned je zarovnaný read, který je vždy ve stejné orientaci jako stejný read v odpovídajícím fastq souboru.

aln_start_pos is the alignment start position of reference sequence. aln_start_pos is always relative to the strand of reference sequence. That is, aln_start_pos 10 in the plus (+) strand is different from aln_start_pos 10 in the minus (-) strand.

ref_seq_aligned is the aligned region of reference sequence, which can be from plus strand or minus strand of the reference sequence. read_seq_aligned is the aligned sequence read, which always in the same orientation of the same read in the corresponding fastq file.

SAM je standardní formát pro NG sekvenční ready zarování BED o tom tam nic není jen NOTE: both ALN and BED format files use 0-based coordinate system while SAM format uses 1-based coordinate system.

pak jsou tady 4 doporučené použití *art_illumina[options] -ss < sequencing_system > -sam -i < seq_ref_file > -l < read_length > -f < fold_coverage > -o < outfile_prefix > art_illumina[options] -ss < sequencing_system > -sam -i < seq_ref_file > -l < read_length > -c < num_reads_per_sequence > -o < outfile_prefix > art_illumina[options] -ss < sequencing_system > -sam -i < seq_ref_file > -l < read_length > -f < fold_coverage > -m < mean_fragsize > -s < std_fragsize > -o < outfile_prefix > art_illumina[options] -ss < sequencing_system > -sam -i < seq_ref_file > -l < read_length > -c < num_reads_per_sequence > -m < mean_fragsize > -s < std_fragsize > -o < outfile_prefix >*

pak tam máš parametry

a jak dlouhý chceme simulovat ready?

4.2.3 bordel

ART is freely available to public. The binary packages of ART are available for three major operating systems: Linux, Macintosh, and Windows. ART is also available as Platform-independent C++ source packages. Each package includes programs, documents and usage examples.

ART simuluje ready napodobobáním skutečných procesů sekvenování s empirickým chybovým modelem nebo quality profiles summarized from large recalibrated sequencing data ART může také simlovat čtené pomocí uživatelského vlastního read error modelu nebo quality profiles

TODO - tohle úplně nechápu ART podporuje simulaci jedno párových, dvou párových tří hlavních komerčních sekvenčních platfoem Výstupy se čtou ve formátu FASQ a zarování ve formátu ALN. ART může také generovat zarovnávání ve formátu SAM nebo UCSC BED ART lze použít společně se simulátory variant genomů VarSim

to je odtud 454 sekvenování je pyrosekvenování, které cycklicky testuje přítomnost každého ze čtyř nukleotidů DNA (T, A, C, G)

SOLid ke kódování 16 různých dinukleotidů používá čtyři fluoresenční barevná barviva, každé barvivo kóduje čtyři dinukleotidy

tak jsem stáhla normálně nejnovější verzi z niehs.nih.gov a podle instrukcí co byli v souboru INSTALL dala

musí se brát v potaz že z toho generátoru nikdy nebudou data taková jako reálná.. realná budou horší

4.3 Bowtie

Bowtie je rychlý a paměťové efektivní nástroj pro zarovnávání krátkých sekvencí DNA na velké genomy. Indexace pomocí Burrows-Wheelere transformace dovoluje zarovnávání více než 25 milionů readů za CPU hodinu pro lidský genom s pamětí přibližně 1.3 gigabajtů. Bowtie přidává k Burrows-Wheeler technice backtracking algoritmus pro sledování nekonzistence. ??

4.3.1 Bordel

Bowtie je napsanej v c++ a používá knihovnu seqAn

Na lidském genomu je nástroj Bowtie v porovnání s nástroji Maq a SOAP rychlejší. Citlovost má bowtie srovnatelné s nástrojem SOAP a o něco menší než Maq. Ale je možnost pomocí příkazové řádky zvýšit citlivost na úkor rychlosti běhu programu. Oproti SOAP bowtie potřebuje méně paměti 1.3 GB RAM. Bowtie zarovnává 25 milionů readů za hodinu. může běžet paralelně.

indexi vytváří permanentní a lze je použít napříč běhy pro lidský genom je to 2.2 GB takže ho lze distribuovat přes internet rychlost a malá paměť způsobuje především Burrows wheeler v kombinaci s backtrackingem.

Podporuje standardní vstupní formáty FASQ a FASTA.

Bowtie je open source.

na stránkách elixir-europe což je organizace co má dávat dohromady všechny vědecký věci a bla bla.

Tak tam je přímo Bowtie [6]

4.3.2 Bowtie 2

Note that SOAP2 and Bowtie do not permit gapped alignment of unpaired reads. memory footprint of Bowtie 2 (3.24 gigabytes) Bowtie 2 by mělo být vhodnější pro delší ready než Bowtie1. We extracted a random subset of 1 million reads from each and aligned them with BWA-SW and Bowtie 2. We did not align with Bowtie, BWA or SOAP2 because those tools are designed for shorter reads. Bowtie už je překonanej nejenom Bowtie2 ale i BWA. Bowtie2 je podle studie znatelně lepší než Bowtie, SOAP2. tyhle výsledky jsou na syntetických readech

vypadá to že bowtie 2 už nepoužívá tamten index ale používá nějaký Full-text minute index-assisted search což vypadá že je kombinace burrows wheelera a ještě něčeho. We found that Bowtie 2, a method that combines the advantages of the full-text minute index and SIMD dynamic programming, achieved very fast and memory-efficient gapped alignment of sequencing reads

je zase open source [5]

šla jsem přes docker docker image ls - zobrazí všechny image pak docker run a ID image sudo docker run -i -t 3c2b9a287f82 /bin/bash sudo docker ps -a

Tak jsem nakonec žádnéj docker nepotřebovala a stáhla jsem to tady po kliknutí na bowtie binary release.

na strance 25.4 je řečeno o hledání tch nejlepších zarovnání a je tam možnost -best ale že je dvakrát nebo třikrát pomalejší než normální mod.. a jde o to že najde první přijatelný a to označí kdežto při tom best prohledá co nejvíc a hledá to nejlepší i mezi těma přijatelnýma a to je pomalý.

takže zarovnání by mohlo být teoreticky namapování na referenční gen???

4.3.3 bordel

tak jsem to stáhla dala do složky a musela jsem teda nastavit proměnou prostředí export BT2_HOME=/home/kate/Dokumenty/FAV/Diplomka/existujicisw/bowtie2-2.4.1-linux-x86_64/ pak jsem pustila tohle: \$BT2_HOME/bowtie2-build \$BT2_HOME/example/reference/lambda_virus.falambda_virus a nakonec se mi vytvořili nějaký nové soubory lambda virus 1 atd.. v tom bowtie 2 adresáři

dělala jsem o podle tohoto webovky
z bowtie pak teda leze asi SAM formát

SAM

1. název readu který je zarovnáván

2. Sum of all applicable flags. Flags relevant to Bowtie are: součet všech aplikovaných (příslušných flags). Flagy relevantní k bowtie jsou: 1 - read je jeden z páru 2 - zarovnání je one z paired proper (The alignment is one end of a proper paired-end alignment) 4 - read má reported alignments 8 - read je jeden z páru a má reportovaný zarovnání 16 - zarování je obrácená reference vlákna 32 - The other mate in the paired-end alignment is aligned to the reverse reference strand 64 - read je mate 1 in a pair 128 - read je mate 2 in a pair

Thus, an unpaired read that aligns to the reverse reference strand will have flag 16. A paired-end read that aligns and is the first mate in the pair will have flag 83 (= 64 + 16 + 2 + 1).

3. jméno reference ze které zarování patří 4. 1-based offset into the forward reference strand where leftmost character of the alignment occurs 1-based odsazení v následující referenci 5. kvalita mapování 6. CIGAR reprezentace zarovnání 7. název reference kde je zarovnán kamarád 8. 1-based zarování offsetu k následující referenci 9. Odvozená délka fragmentu. Velikost v závorku je že se mate nachází předtím. 0 že jsem nezarovnali mate 10. read sekvence 11. ASCII encoded read kvalita, stejné jako u FASTQ 12. optional pole

SAM Sequence Alignment Map format), respektive jeho binárně komprimovaná verze BAM (z angl. Binary Alignment Map format).

nakonec jsem to pustila přes IGV ale stejně se tam museli ty indexi dodělat

Literatura

- [1] FRYČOVÁ, M. Lze u pacientů s AML indikovaných k nepříbuzenské transplantaci provádět v klinické praxi výběr nepříbuzných dárců na základě KIR genotypů, 2016.
- [2] HUANG, W. et al. ART: a next-generation sequencing read simulator. 2012. Dostupné z: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/28/4/593/213322>.
- [3] J, R. et al. *Nomenclature* [online]. Nucleic Acids Research, 2015. [cit. 2019/10/1]. 43:D423-431. Dostupné z: <http://hla.alleles.org/misc/citing.html>.
- [4] KOLÍSKO, M. Moderní metody sekvenování DNA. 2017. Dostupné z: <https://ziva.avcr.cz/files/ziva/pdf/moderni-metody-sekvenovani-dna.pdf>.
- [5] LANGMEAD, B. – SALZBERG, S. L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. 2012. Dostupné z: <https://www.nature.com/articles/nmeth.1923>.
- [6] LANGMEAD, B. et al. Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome. 2009. Dostupné z: <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/gb-2009-10-3-r25>.
- [7] MUDR. PAVEL JINDRA, P. D. *Imunopatologické a imunogenetické aspekty transplantací krvetvorných buněk a solidních orgánů*. PhD thesis, Universita Karlova v Praze, 2011.
- [8] PAPOUŠEK, I. Elektroforéza nukleových kyselin. 2017. Dostupné z: https://fvhe.vfu.cz/files/mbhp_2018_02.pdf.
- [9] ROBINSON, J. et al. The IMGT/HLA Database. 2013. Dostupné z: <https://www.ebi.ac.uk/ipd/index.html>.
- [10] ROBINSON, J. et al. IPD—the Immuno Polymorphism Database. 2013. Dostupné z: <https://www.ebi.ac.uk/ipd/index.html>.
- [11] S.KANNANA, G. – ARIANEXYS AQUINO-LOPEZ – A.LEED, D. Natural killer cells in malignant hematology: A primer for the non-immunologist. 2017. Dostupné z: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0268960X16300704>.

- [12] SMITH, D. T. *Encyklopedie lidského těla*. 2005. ISBN 80-7321-156-4.
- [13] THIELENS, A. – VIVIER, E. – ROMAGNÉ, F. NK cell MHC class I specific receptors (KIR): from biology to clinical intervention. *Current opinion in immunology*. 2012, 24 2, s. 239–45.